PHYLUM	SD	SDOR	SDGSSE	SDGSOR	HF	FHOR	HFGSSE	HFGSOR
Firmicutes	83,6	82,8	70,1	81,7	91	96	86,5	79,2
Bacteroidetes	11,6	9,4	10,3	11,2	4	1,4	3,2	5,3
Patescibacteria	1,8	5,2	11,4	2,5	1,4	0,6	1,9	2,9
Actinobacteria	0,7	0,4	1,9	2,7	3,3	1,2	8	9,1
Euryarchaeota	0	0,7	3,2	0,3	0	0,1	0,1	0,8
Epsilonbacteraeota	0,8	0,3	1,7	1,4	0,2	0,5	0,3	1,6
Spirochaetes	0,6	0,4	1,4	0,2	0,1	0	0	0,1
Proteobacteria	0,8	0,8	0	0	0	0	0	0
Fusobacteria	0,1	0	0	0	0	0,2	0	1
TOTAL	100	100	100	100	100	100	100	100
FAMILY	SD	SDOR	SDGSSE	SDGSOR	HF	FHOR	HFGSSE	HFGSOR
Lactobacillaceae	20,3	27,5	21,8	48,3	44,6	79,7	53,4	27,9
Ruminococcaceae	16	17,6	23,1	11,8	6,4	2,4	5,4	12,4
Lachnospiraceae	21,8	16,6	15,6	9,2	8,1	1,9	3,4	9,7
Streptococcaceae	11,9	3,8	0,7	1,3	13,1	0,6	2,6	1,3
Erysipelotrichaceae	2,8	4	2	2,9	5,1	1,8	8,1	13,1
Saccharimonadaceae	1,8	5,2	11,4	2,5	1,4	0,6	1,9	2,9
Bifidobacteriaceae	0	0	0	2,4	3	1,1	8	8,7
Clostridiaceae 1	0,6	4,7	1,4	3	7,4	1,5	6,3	7,2
Peptostreptococcaceae	2,8	5,5	1,9	2,5	4,6	7,2	5,5	4,1
Prevotellaceae	5,1	4	4,9	5,5	2	0,4	1	1,2
Christensenellaceae	3,3	0,5	1,5	1	0,1	0	0,3	0,5
Muribaculaceae	3,1	3,2	3,1	2,4	1	0,5	1,2	2,1
Methanobacteriaceae	0	0,7	3,2	0,3	0	0,1	0,1	0,8
Bacteroidaceae	2,5	0,6	0,7	0,9	0,4	0,3	0,3	1,2
Family XIII	2,2	0,8	0,4	0,3	0,1	0,1	0,1	1,2
Helicobacteraceae	0,8	0,3	1,7	1,4	0,2	0,5	0,3	1,6
Spirochaetaceae	0,6	0,4	1,4	0,2	0,1	0	0	0,1
Coriobacteriaceae	0	0,1	1,1	0,1	0,2	0	0	0,1
Acidaminococcaceae	1	0,9	0,8	0,5	0,3	0,1	0,2	0,9
Rikenellaceae	0,6	0,9	0,7	0,8	0,3	0,1	0,4	0,3
p-2534-18B5 gut grp	0,2	0,5	0,6	0,9	0,3	0,1	0,2	0,4
Enterobacteriaceae	0,8	0,8	0	0	0	0	0	0
Eggerthellaceae	0,7	0,3	0,8	0,3	0,2	0,1	0,1	0,3
Veillonellaceae	0,7	0,3	0,3	0,1	0,3	0,1	0,7	0,1

Paludibacteraceae	0	0,1	0,3	0,7	0,1	0	0,1	0,1
Fusobacteriaceae	0,1	0	0	0	0	0,2	0	1
TOTAL	99,6	99,3	99,4	99,3	99,3	99,4	99,6	99,3
GENUS	SD	SDOR	SDGSSE	SDGSOR	HF	FHOR	HFGSSE	HFGSOR
Lactobacillus	20,3	27,4	21,8	48,3	44,7	80	53,5	27,9
Unknown genus	12	4,3	11,4	8,8	4,6	1,5	3,2	8,6
Streptococcus	11,9	4	0,7	1,3	13	0,6	2,6	1,3
Blautia	12,6	6,6	2,7	5,2	3,4	0	1	2,7
Candidatus Saccharimonas	1,8	5,2	11,5	2,5	1	0,5	2	3
Bifidobacterium	0	0	0	2,4	3	0,6	8	9
Romboutsia	3,5	7,5	2,5	3	5	8	6	4,1
Clostridium sensu stricto 1	1	4,7	1,4	3	7,4	1,5	6,3	7,2
Ruminococcaceae UCG-005	7	5,4	6,6	0,8	1	1	1,2	2,6
Dubosiella	0	0,6	0	1,7	1,4	0,2	1,5	6,4
Ruminococcaceae UCG-014	3	3	6	3	1	0,5	1	2,4
Turcibacter	2,3	2,7	1	1	2,7	1	4,5	1,4
Prevotellaceae NK3B31 grp	2	3	4	4	1	0,8	0,5	0,6
Lachnospiraceae NK4A136 grp	0	3,4	3,3	0,5	1,6	1	0,5	2
Christensenellaceae R-7 grp	3,3	0,5	1,5	1	0	0	0,3	0,5
Methanobrevibacter	0	0,7	3,2	0,3	0	0,1	0,1	0,8
Allobaculum	0	0	0,1	0	0,7	0,3	1,5	3,1
Ruminococcus 2	0,4	2	2,7	1,3	0,6	0,5	0,3	1,1
Bacteroides	2,5	0,6	0,7	1	0,4	0,3	0,3	1,2
[Eubacterium] coprostanoligenes grp	1,2	2	2	1,3	1,3	0	1	2,4
Faecalibaculum	0	0	0	0	0,2	0,2	0,5	2,2
Ruminococcus 1	1,5	0,7	1,4	1,3	0,8	0,2	0,5	1
Ruminococcaceae UCG-013	0,6	2	1,5	1,1	0,1	0,2	0,5	0,5
Prevotella 9	1,5	0,3	0,6	0,5	0,1	0,1	0,2	0,1
Treponema 2	0,6	0,4	1,4	0,2	0,1	0	0	0,1
Ruminococcaceae NK4A214 grp	0,7	1,1	1,2	1	0,3	0,2	0,4	1
Tyzzerella 3	1,1	0	0,1	0,1	0	0	0	0
Phascolarctobacterium	1	1	0,8	0,5	0,3	0	0,1	1
Prevotellaceae UCG-003	1	0,3	0,4	0,3	0,3	0,1	0,2	0,2
Erysipelotrichaceae UCG-003	0,2	0,7	1	0,4	0,1	0	0,1	0,1
Collinsella	0	0,1	1	0,1	0,2	0	0	0,1
[Ruminococcus] gauvreauii grp	0,6	0,9	0,5	0,4	0,2	0	0,1	0,5

[Eubacterium] ventriosum grp	0,3	0,5	0,9	0,3	0,1	0	0	0,1
Lachnoclostridium	0	0,9	0,1	0,1	0	0	0	0
Marvinbryantia	0,1	0,8	0,9	0,4	0	0	0	0
Escherichia	0,8	0,8	0	0	0	0	0	0
[Eubacterium] xylanophilum grp	0	0,8	0	0	0,1	0	0,1	0,5
[Eubacterium] ruminantium grp	0,4	0,7	0,6	0,1	0,8	0	0,1	0,1
[Eubacterium] nodatum grp	0,5	0,7	0,1	0,2	0,1	0	0	0,6
Ruminiclostridium 5	0,7	0	0,4	0,1	0,2	0,1	0,1	0,2
Rikenellaceae RC9 gut grp	0,4	0,5	0,6	0,5	0,1	0,1	0,1	0,3
[Eubacterium] fissicatena	0,6	0,1	0,5	0,3	0,1	0	0,1	0,3
Alloprevotella	0,5	0,6	0,2	0,4	0,4	0	0,2	0,3
Enterorhabdus	0,3	0,2	0,6	0,1	0,1	0	0	0,1
Coprococcus 3	0	0,2	0	0,1	0,2	0,1	0,1	0,6
Anaerovibrio	0,2	0,3	0	0,1	0,2	0,1	0,6	0
Quinella	0,5	0,2	0,2	0	0,1	0	0	0,1
Ruminiclostridium 9	0,4	0,3	0,4	0,2	0,2	0,1	0,2	0,3
Roseburia	0,1	0,2	0,4	0,3	0,2	0	0,1	0,3
hoa5-07d05 gut grp	0,2	0,4	0,1	0,3	0,2	0	0,3	0
Mogibacterium	0,1	0,1	0,3	0	0	0	0	0,2
Negativibacillus	0,1	0,2	0,1	0,1	0	0	0	0,3
[Eubacterium] oxidoreducens grp	0,1	0,1	0,2	0,1	0	0	0	0,3
Acetitomaculum	0	0,1	0,1	0	0,2	0,1	0	0,2
TOTAL	99,9	99,8	99,7	100	99,8	100	99,9	99,9